

(19)



Europäisches Patentamt
European Patent Office
Office européen des brevets



(11)

EP 0 693 559 A1

(12)

EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(43) Veröffentlichungstag:
24.01.1996 Patentblatt 1996/04

(51) Int. Cl.⁶: **C12Q 1/37**, G01N 33/68,
G01N 33/72

(21) Anmeldenummer: 95111047.7

(22) Anmeldetag: 14.07.1995

(84) Benannte Vertragsstaaten:
AT CH DE DK ES FR GB IT LI NL SE

(30) Priorität: 18.07.1994 DE 4425162

(71) Anmelder: BOEHRINGER MANNHEIM GMBH
D-68298 Mannheim (DE)

(72) Erfinder:

- Kobold, Uwe, Dr.
D-82407 Wielenbach (DE)
- Renauer, Doris, Dr.
D-82166 Graefeling (DE)
- Finke, Andreas, Dr.
D-82377 Penzberg (DE)
- Johann, Karl, Dr.
D-82380 Peissenberg (DE)

(54) **Verfahren zur quantitativen Bestimmung von glykierten Proteinen**

(57) Verfahren zur quantitativen Bestimmung von glykiertem Protein, insbesondere Hämoglobin, HbA_{1c}, wobei die jeweilige Probe zunächst mit einem proteolytischen Enzym in Kontakt gebracht wird und anschließend ein nicht immunologisches chromatographisches Trennverfahren durchgeführt wird.

EP 0 693 559 A1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zur quantitativen Bestimmung von glykiertem Protein, insbesondere Hämoglobin (HbA1c), welches im wesentlichen aus einem enzymatischen und einem chromatographischen Verfahrensschritt besteht. Anschließend wird durch Differenzmessung von beispielsweise glykiertem und nicht glykiertem Hämoglobin (HbA0) der exakte Anteil an HbA1c bestimmt. Alternativ kann der Absolutgehalt von glykierten und nicht-glykierten Proteinen durch Kalibration mit geeigneten Standardmaterialien bestimmt werden.

Zur Bestimmung von glykierten Proteinen gibt es eine Vielzahl von Verfahren. Diese lassen sich prinzipiell in drei Gruppen einteilen, in Abhängigkeit von der Art und Weise, wie glykierte und nichtglykierte Proteinkomponenten getrennt und quantifiziert werden (Clin. Chemistry 32 (1986), B64 - B70). Als erste Gruppe sind physikalisch-chemische Methoden, basierend auf der Nutzung von Ladungsunterschieden, zu nennen. Darunter befinden sich die in der Klinischen Chemie am häufigsten verwendeten Verfahren der HPLC-Bestimmung mit Kationenaustauscher-Säulen, z. B. Diamat, MonoS und PolyCat A (Bisse-Methode). Die quantitative Auswertung erfolgt, beispielsweise im Falle von Hämoglobin, durch die Relativmessung des HbA1c-Signales, bezogen auf die Gesamtmenge Hb (% HbA1c).

Als zweite Gruppe sind Methoden anzuführen, welche die unterschiedliche chemische Reaktivität von glykiertem und nichtglykiertem Protein ausnutzen. Hierzu gehören die Thiobarbitursäure-Methode, bei der beispielsweise die an Hämoglobin gebundene Glucose in einen gelben Farbstoff überführt und photometrisch gemessen wird, aber auch affinitätschromatographische Verfahren, bei denen die Komplexbildung zwischen den vicinalen Diolgruppen des Zuckeres und einer Boronsäuregruppierung, welche kovalent an einen Träger gebunden ist, zur Trennung des glykierten und nichtglykierten Hämoglobins verwendet werden. Die Quantifizierung der getrennten Substanzklassen erfolgt photometrisch unter Berechnung des Relativgehaltes von glykiertem Hämoglobin oder im Fall der Thiobarbitursäure-Methode als Absolutbestimmung durch Kalibration mit geeigneten Standardmaterialien.

Drittens sind immunologische Verfahren zu nennen. Bei immunologischen Verfahren werden spezifische Antikörper verwendet. Diese erkennen beispielsweise die für HbA1c typische Struktureinheit des am N-terminalen Ende der β -Kette glykierten Hämoglobin-Moleküls (z. B. Tina quant® HbA1c, Boehringer Mannheim). Bei den immunologischen Verfahren erfolgt eine Bestimmung des Absolutgehaltes des jeweiligen Proteins. Dazu ist die Verwendung von Kalibratoren notwendig, denen durch ein unabhängiges Verfahren eine Sollkonzentration zugewiesen wird. Der relative Gehalt beispielsweise an HbA1c, kann nicht durch eine direkte Messung erhalten werden.

Die bekannten Verfahren sind jedoch mit einer Reihe von Nachteilen verbunden. So zeigen die physikalisch-chemischen Verfahren eine z. T. sehr schlechte Selektivität, da die gemessenen Signale von glykiertem Protein durch die der nichtglykierten Varianten überlagert sind. Die chromatographischen Peakformen sind häufig asymmetrisch und schlecht integrierbar. Die verwendeten Kationenaustauschersäulen sind anfällig gegenüber kleinen Änderungen der Arbeitsbedingungen und Kontaminationen. Bedingt durch die schlechte Selektivität besteht ein hohes Risiko, zu hohe Werte zu messen (falsch-positive Werte).

Bei den chemischen Verfahren ist die Durchführung nur schwierig standardisierbar und Störungen durch andere zuckerhaltige Komponenten nur mit großem Aufwand zu vermeiden. Eine Unterscheidung zwischen beispielsweise HbA1c und anderen glykierten Hämoglobinvarianten ist nicht möglich.

Die immunologischen Verfahren zeichnen sich durch eine sehr hohe Selektivität gegenüber glykierten Proteinvarianten aus. Die Qualität der Ergebnisse ist jedoch abhängig von der Qualität der verwendeten Standards zur Kalibration. Geeignete Primärstandards in optimaler Qualität sind zur Zeit, insbesondere für HbA1c, nicht verfügbar. Informationen zu Matrixabhängigkeiten können mangels einer geeigneten Referenzmethode nicht gewonnen werden. Auch hier werden häufig falsch-positive Werte erhalten (siehe z. B. J. Clin. Lab. Anal. 8, (1994), 128 - 134).

Der Erfindung liegt daher die Aufgabe zugrunde, ein Verfahren zur Verfügung zu stellen, wodurch die Nachteile der bekannten Verfahren überwunden werden.

Die Lösung der Aufgabe besteht darin, daß eine ein glykiertes Protein bzw. entsprechende Varianten enthaltende wäßrige Probe zunächst mit einem proteolytischen Enzym behandelt wird und anschließend die resultierende Mischung mit den Bruchstücken chromatographisch aufgetrennt wird.

Im einzelnen wird dabei wie folgt verfahren:

Das Probenmaterial, insbesondere hämolysiertes Vollblut, wird mit einem proteolytischen Enzym in einem geeigneten Reaktionspuffer inkubiert. Die Hämolysen erfolgt nach bekannten Methoden. Als Enzym haben sich hier solche Proteasen als geeignet erwiesen, die befähigt sind, von der β -Kette des Hämoglobins ein N-terminales, möglichst kurzes Peptid abzuspalten. Neben Trypsin haben sich hier insbesondere Chymotrypsin und Thermolysin und ganz besonders Endoproteinase Glu-C als geeignet erwiesen. Die proteolytischen Enzyme werden üblicherweise in einer Konzentration von 1/200 bis 1/10 der Gewichtsmenge Protein eingesetzt.

Geeignete Reaktionspuffer sind beispielsweise Ammoniumcarbonat- und/oder Natriumphosphat-Puffer, die üblicherweise in Konzentrationen von ungefähr bis 10 mM im pH-Bereich von 3.5 - 8.5 eingesetzt werden und ggf., abhängig von der jeweiligen Protease, durch weitere Hilfsstoffe, wie Aktivatoren, und/oder Stabilisatoren ergänzt werden können, wie z.B. Natriumdodecylsulfat, Harnstoff, Guanidinhydrochlorid oder Acetonitril.

Die Inkubation mit dem jeweiligen proteolytischen Enzym erfolgt zwischen 20°C und 40°C, vorteilhafterweise bei ca. 25°C und kann, je nach Enzym, nach einigen Minuten bis maximal 18 Stunden beendet werden.

Als besonders vorteilhaft hat sich zudem erwiesen, wenn vor der Hämolyse die Erythrozyten abgetrennt wurden und die Hämolyse lediglich mit Wasser durchgeführt wird.

Die durch Enzymbehandlung erhaltene Lösung enthält neben anderen Fragmenten die für die jeweils zu bestimmenden Proteine spezifischen Peptide. Die Peptidgemische werden anschließend in einem HPLC-Verfahren mit guter Auflösung (z.B. Reversed-phase-Materialien) getrennt und photometrisch detektiert. Solche Trennverfahren sind dem Fachmann allgemein bekannt (z.B. K.L. Stone, J.I. Elliot, G. Peterson, W. McMurray, K.R. Williams, "Reversed-phase high performance liquid chromatography for fractionation of enzymatic digests and chemical cleavage products of proteins", Methods in Enzymology, 193 (1990) 389-412). Alternativ kann auch mit anderen Trennverfahren, wie z.B. Kapillarelektrophorese gearbeitet werden (z. B. Capillary Electrophoresis Separations of Peptides: Practical Aspects and Applications, Chap. 9, S.237-271 in Capillary Electrophoresis, Academic Press 1992).

Aus den gemessenen Signalintensitäten des glykierten und des jeweiligen nichtglykierten Peptidanteils ist die gleichzeitige selektive Bestimmung von glykiertem und nichtglykiertem Protein möglich. Bei der rechnerischen Auswertung wird der prozentuale Anteil von glykiertem Protein bezogen auf nichtglykiertes Protein erhalten. Insbesondere ist das Verfahren für die Bestimmung von HbA1c neben nichtglykiertem Hämoglobin (HbA0) von Vorteil. Hier hat sich das Verfahren als hochspezifisch und frei von jeglicher Art von Störungen erwiesen, zudem ist die Bestimmung des prozentualen Gehaltes an HbA1c ohne zusätzliche Kalibration oder Standardisierung möglich.

Die folgenden Beispiele erläutern die Erfindung weiter.

20

Beispiel 1:

Die Methode wurde an einem Vollbluthämolysat und an unterschiedlich aufgereinigten HbA1c und HbA0 Standardmaterialien durchgeführt. Zur Quantifizierung von HbA1c und HbA0 wurde jeweils das N-terminale Peptid mit einer Länge von zweiundzwanzig Aminosäuren verwendet.

Zu Vergleichszwecken wurden die verwendeten Proben auch mit einem HPLC-Verfahren auf Kationenaustauscher Basis (PolyCat A, Bisse-Methode) ohne vorherige Enzymbehandlung vermessen.

A Erfindungsgemäß (Enzym + HPLC)

30

A.1 Enzymlösung:

- Endoproteinase Glu-C
(sequencing grade Boehringer Mannheim; Id.-Nr. 1047817) Proteinkonzentration: ca. 1mg/ml
Verhältnis Protein: Enzym 20:1
- 25 mM Ammoniumacetat-Puffer mit 5% Acetonitril pH 4,0

Enzymbehandlung, Bedingungen: 18h, 25°C

A.2 HPLC-Schritt, Bedingungen:

HPLC-Anlage HP 1090

Trennsäule Zorbax C8 stable bond

Gradientenelution von Wasser nach Acetonitril mit 0.1 % Trifluoressigsäure (TFA)

Detektion bei 214 nm

B HPLC-Schritt ohne vorherige Enzymbehandlungen

Säulenmaterial: PolyCat A

Durchführung entsprechend E. Bisse & H. Wieland, J. of Chromat. 434 (1988) 95-110.

Die Ergebnisse zeigen, daß die Selektivität der Kationenaustauscherchromatographie allein nicht den Anforderungen entspricht, es wird eine falsch-positive Abweichung von ca. 15 % gefunden. Bei Probenmaterial, welches durch Affinitätschromatographie aufgereinigt wurde und kein nichtglykiertes Hämoglobin mehr enthält sind die Ergebnisse der beiden Verfahren vergleichbar, dajetzt das HbA1c-Signal in der Kationenaustauscherchromatographie nicht mehr durch

55

EP 0 693 559 A1

nichtglykiertes Material überlagert werden kann.

Tabelle 1

Probe	% HbA1c Glu-C + HPLC	% HbA1c PolyCat A	% Abweichung
Vollblut Hämolysat	5.5	6.5	15.4
HbA1c präparativ gereinigt Kationenaustauscher	7.5	89	15.7
HbA1c präparativ gereinigt Affinitätschromatographie	93	92	-1.1
HbA0 präparativ gereinigt Kationenaustauscher	0	0.6	

Tabelle 1 zeigt einen Vergleich der erfindungsgemäßen Methode mit einer reinen HPLC-Methode.

Beispiel 2:

Zur Überprüfung der Reproduzierbarkeit des Verfahrens wurde eine Vollblutprobe mehrfach aufgearbeitet und nach der Enzymbehandlung das N-terminale Peptid mit einer Länge von 6 Aminosäuren zur Quantifizierung von HbA1c und HbA0 verwendet (vgl. Chromatogramm Abb. 5)

Enzymlösung:

- Endoproteinase Glu-C
(sequencing grade Boehringer Mannheim; Id.-Nr. 1047817)
Proteinkonzentration : ca. 1 mg/ml
Verhältnis Protein : Enzym 30 : 1 bis 60 : 1
- 25 mM Ammoniumacetat-Puffer
pH 4.0

Die Ergebnisse (Tabelle 2) zeigen, daß das Verfahren gut reproduzierbar durchzuführen ist.

Tabelle 2

Probe	Verhältnis Protein: Enzym	% HbA1c (Glu-C + HPLC)
Vollblut Hämolysat Ansatz 1	43 : 1	5.35
Vollblut Hämolysat Ansatz 2	43 : 1	5.38
Vollblut Hämolysat Ansatz 3	43 : 1	5.48
Vollblut Hämolysat Ansatz 4	43 : 1	5.25
Vollblut Hämolysat Ansatz 5	43 : 1	5.44
Vollblut Hämolysat Ansatz 6	34 : 1	5.39
Vollblut Hämolysat Ansatz 7	51 : 1	5.50

Tabelle 2 zeigt die Ergebnisse zu einem Reproduzierbarkeitsversuch mit der erfindungsgemäßen Lösung. Die Bedingungen sind wie folgt:

HPCL Anlage HP 1090

Trennsäule Zorbax SB-CN

Gradientenelution von Wasser nach Acetonitril mit 0.1 % Trifluoressigsäure Detektion bei 214 nm

Abbildung 1:

Abbildung 1 zeigt das Ergebnis des erfindungsgemäßen Verfahrens (Probe: Vollblut-Hämolysat; Enzymbehandlung und Chromatographie (HPLC)).

Abbildungen 2 und 3:

Abbildungen 2 und 3 zeigen das Ergebnis des erfindungsgemäßen Verfahrens (Probe: präparativ gereinigtes HbA1c; 2: Kationenaustauscher; 3: Kationenaustauscher und Affinitätschromatographie).

Abbildung 4:

Abbildung 4 zeigt das Ergebnis des erfindungsgemäßen Verfahrens (Probe: präparativ gereinigtes HbA0 (Kationenaustauscher)).

Abbildung 4 zeigt das Ergebnis des erfindungsgemäßen Verfahrens (Probe: präparativ gereinigtes HbA0 (Kationenaustauscher)).

Abbildung 5:

Abbildung 5 zeigt das Ergebnis des erfindungsgemäßen Verfahrens (Probe: Vollblut-Hämolyt, Enzymbehandlung und Chromatographie (HPLC)).

Patentansprüche

1. Verfahren zur Bestimmung von glykiertem Protein bzw. entsprechenden Varianten in einer wäßrigen Probe, dadurch gekennzeichnet, daß die Probe mit einem proteolytischen Enzym in Kontakt gebracht, die entstandene Peptid-Mischung chromatographisch oder mit einem anderen nicht immunologischen Verfahren aufgetrennt wird und der Gehalt an glykiertem Protein rechnerisch durch Quotientenbildung aus dem Gehalt an spezifischen Peptiden für das glykierte und das nicht-glykierte Protein bestimmt wird.
2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es sich bei der Probe um Vollblut-Hämolyt handelt, wobei Erythrozyten gegebenenfalls vorher abgetrennt wurden.
3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß es sich bei dem proteolytischen Enzym um Trypsin, Chymotrypsin, Thermolysin und/oder Endoproteinase Glu-C handelt.
4. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß eine HPLC-Chromatographie oder kapillarelektrophoretische Trennung durchgeführt wird.
5. Verfahren nach einem der vorangegangenen Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß es sich bei dem glykierten Protein um HbA1c handelt.

Abb. 1

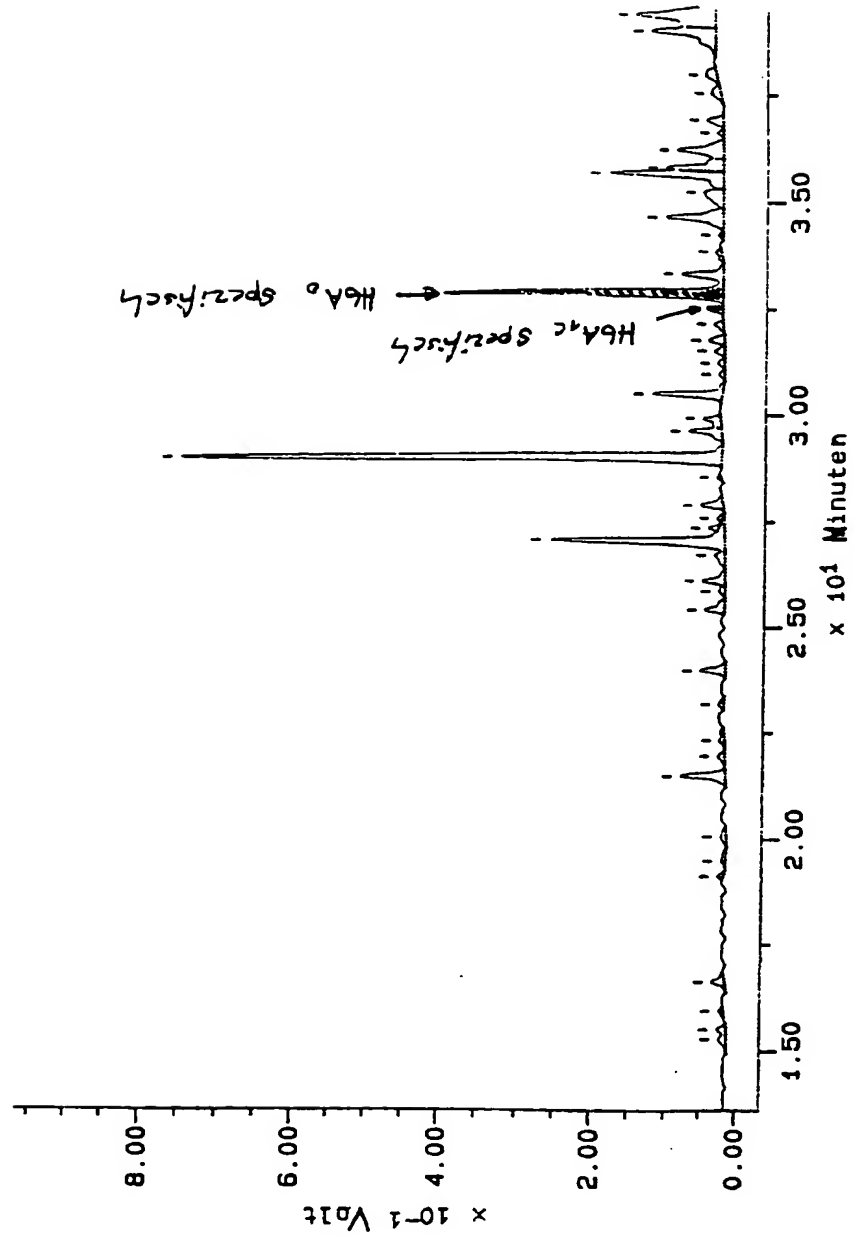


Abb. 2

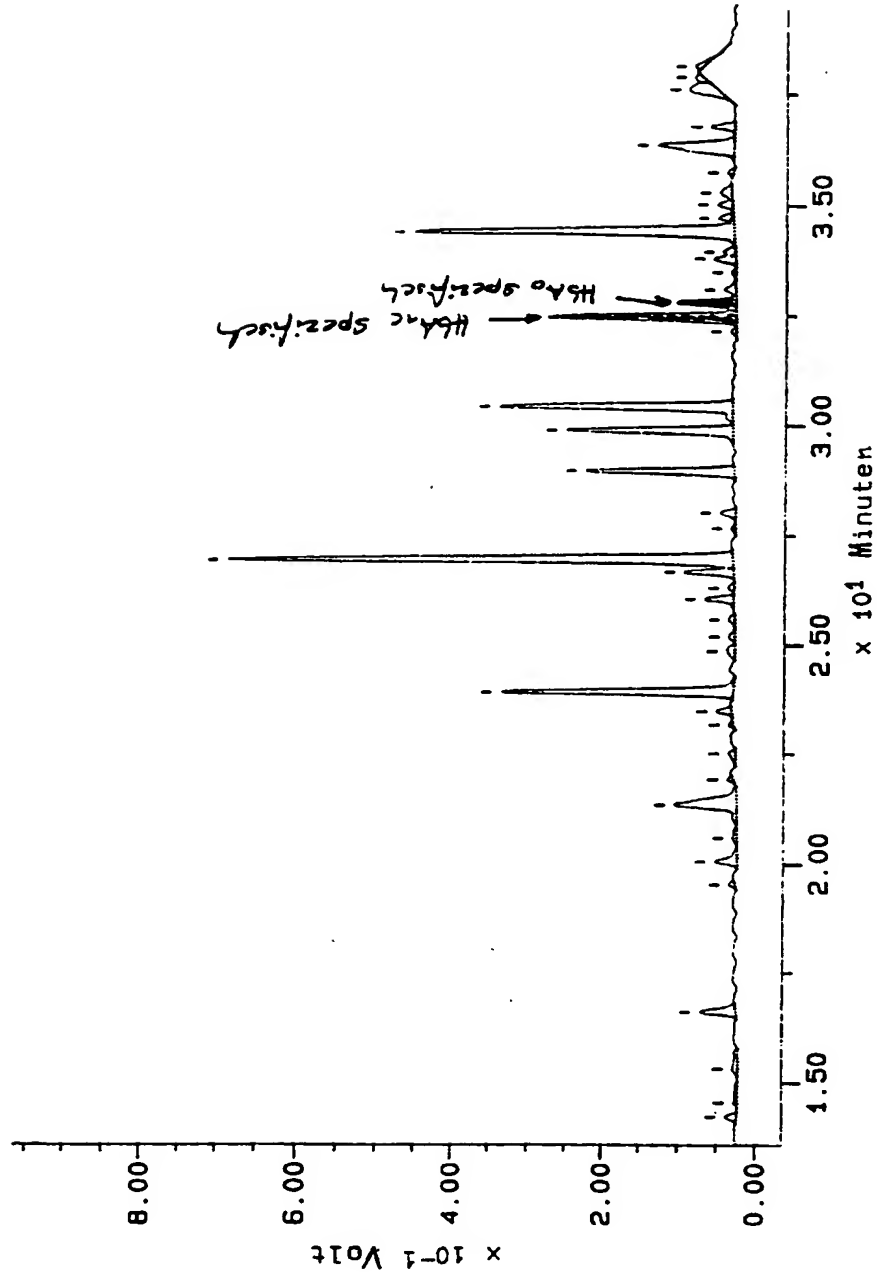


Abb. 3

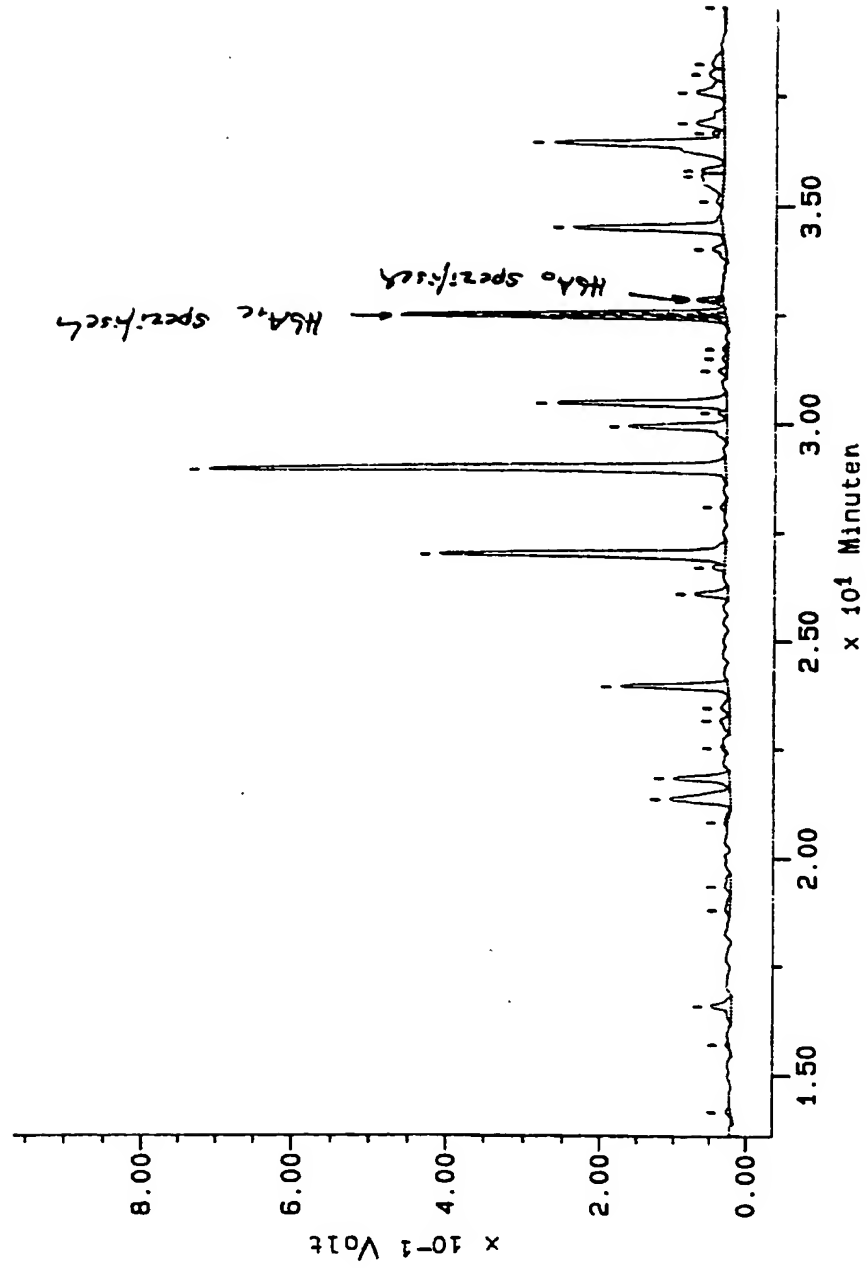
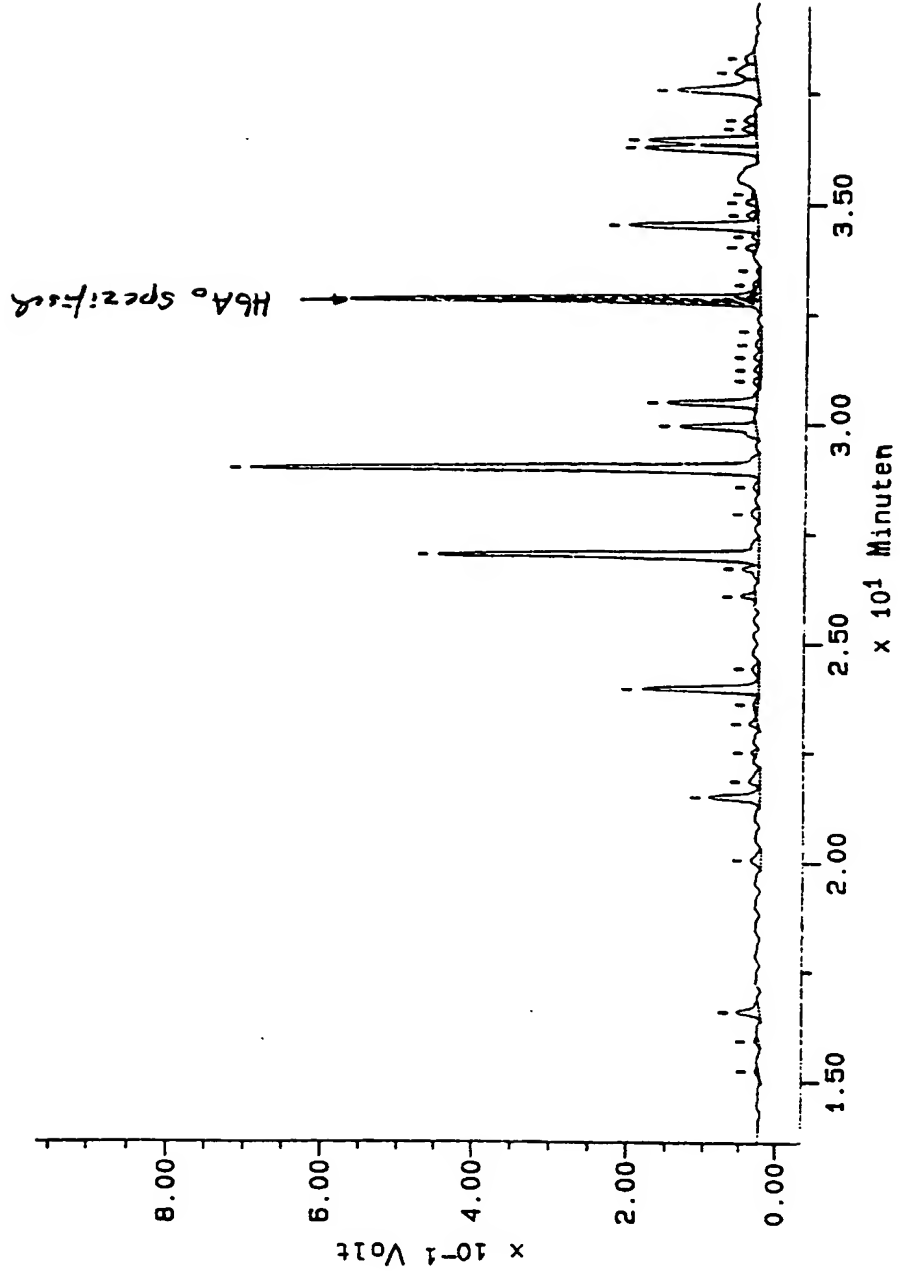


Abb. 4





Europäisches
Patentamt

EUROPÄISCHER RECHERCHENBERICHT

Nummer der Anmeldung
EP 95 11 1047

EINSCHLÄGIGE DOKUMENTE			
Kategorie	Kennzeichnung des Dokuments mit Angabe, soweit erforderlich, der maßgeblichen Teile	Betrifft Anspruch	KLASSIFIKATION DER ANMELDUNG (Int.Cl.6)
X	HEMOGLOBIN, Bd.17, Nr.4, April 1993, NEW YORK, NY, US Seiten 303 - 318 B. LANDLIN AND J-O. JEPSSON 'Rare .beta.-Chain Hemoglobin Variants found in Swedish Patients During HbA1c Analysis' * das ganze Dokument *	1-5	C12Q1/37 G01N33/68 G01N33/72
X	CARBOHYDR. RES. (1985), 138(2), 305-14 CODEN: CRBRAT; ISSN: 0008-6215, 1985 SCHLUETER, MICHAEL ET AL 'Isolation of glycopeptides containing individual glycosylation by methylation analysis' * das ganze Dokument *	1-5	
X	EP-A-0 526 150 (GENZYME LIMITED) 3. Februar 1993 * das ganze Dokument *	1-3,5	
A	'Arbeitsanleitung Klinische Chemie' 1992, E. MERCK AG, DARMSTADT DE *Glycosyliertes Hämoglobin (Glyc-Hb)* * Seite 89 *	1-5	RECHERCHIERTE SACHGEBIETE (Int.Cl.6) C12Q G01N
Der vorliegende Recherchenbericht wurde für alle Patentansprüche erstellt			
Recherchenamt DEN HAAG		Abschlußdatum der Recherche 21. August 1995	Prüfer Döpfer, K-P
KATEGORIE DER GENANNTEN DOKUMENTE X : von besonderer Bedeutung allein betrachtet Y : von besonderer Bedeutung in Verbindung mit einer anderen Veröffentlichung derselben Kategorie A : technologischer Hintergrund O : nichtschriftliche Offenbarung P : Zwischenliteratur T : der Erfindung zugrunde liegende Theorien oder Grundsätze E : älteres Patentdokument, das jedoch erst am oder nach dem Anmeldedatum veröffentlicht worden ist D : in der Anmeldung angeführtes Dokument L : aus andern Gründen angeführtes Dokument * : Mitglied der gleichen Patentfamilie, übereinstimmendes Dokument			

EPO FORM 150 (04/95) (P0600)